

10/561947 PCT/JP2004/008355

日本国特許庁
JAPAN PATENT OFFICE

26.08.2004

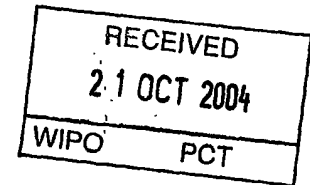
別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application: 2003年 6月27日

出願番号
Application Number: 特願2003-184123
[ST. 10/C]: [JP2003-184123]

出願人
Applicant(s): 栄研化学株式会社

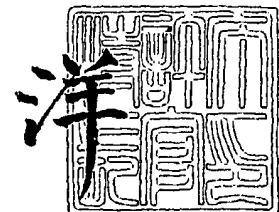


PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

2004年10月 7日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

小川



BEST AVAILABLE COPY

出証番号 出証特2004-3090174

【書類名】 特許願

【整理番号】 P-000494

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 C12N 15/10
C12Q 1/68
C12Q 1/70

【発明者】

【住所又は居所】 栃木県大田原市下石上1381-3 栄研化学株式会社
那須事業所内

【氏名】 峰川 晴美

【発明者】

【住所又は居所】 東京都北区王子5-26-20 栄研化学株式会社王子
事業所内

【氏名】 渡辺 恵子

【発明者】

【住所又は居所】 東京都北区王子5-26-20 栄研化学株式会社王子
事業所内

【氏名】 梶谷 伸一

【特許出願人】

【識別番号】 000120456

【住所又は居所】 東京都文京区本郷1-33-8

【氏名又は名称】 栄研化学株式会社

【代表者】 黒住 忠夫

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 052869

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】

要約書 1

【プルーフの要否】

要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 SARS コロナウイルスの検出法

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1で示されるSARSコロナウイルスのRNAポリメラーゼ塩基配列の、41番～256番の塩基配列から選ばれた任意の塩基配列、又はそれらと相補的な塩基配列から設計されたオリゴヌクレオチドプライマー。

【請求項2】 SARSコロナウイルスのRNAポリメラーゼ塩基配列から選ばれた配列番号2～13で示される塩基配列又はそれらと相補的な塩基配列から選ばれた、少なくとも連続する15塩基を含む請求項1記載のオリゴヌクレオチドプライマー。

【請求項3】 SARSコロナウイルスの標的核酸上の3'末端側からF3c、F2c、F1cという塩基配列領域を、5'末端側からR3、R2、R1という塩基配列領域を選択し、それぞれの相補的な塩基配列をF3、F2、F1、そしてR3c、R2c、R1cとしたときに、以下の(a)～(d)から選ばれた塩基配列から成ることを特徴とする請求項1～2記載のオリゴヌクレオチドプライマー。

(a) 標的核酸のF2領域を3'末端側に有し、5'末端側に標的核酸のF1c領域を有する塩基配列。

(b) 標的核酸のF3領域を有する塩基配列。

(c) 標的核酸のR2領域を3'末端側に有し、5'末端側に標的核酸のR1c領域を有する塩基配列。

(d) 標的核酸のR3領域を有する塩基配列。

【請求項4】 SARSコロナウイルスに特異的な塩基配列を増幅でき、5'末端から3'末端に向かい以下の(e)～(h)から選ばれた塩基配列から成ることを特徴とする請求項1～3記載のオリゴヌクレオチドプライマー。

(e) 5' - (配列番号2の塩基配列に相補的な塩基配列) - (塩基数0～50の任意の塩基配列) - (配列番号3の塩基配列) - 3'

(f) 5' - (配列番号5の塩基配列) - (塩基数0～50の任意の塩基配列) - (配列番号6の塩基配列に相補的な塩基配列) - 3'

(g) 5' - (配列番号 8 の塩基配列に相補的な塩基配列) - (塩基数 0 ~ 50 の任意の塩基配列) - (配列番号 9 の塩基配列) - 3'

(h) 5' - (配列番号 11 の塩基配列) - (塩基数 0 ~ 50 の任意の塩基配列) - (配列番号 12 の塩基配列に相補的な塩基配列) - 3'

【請求項 5】請求項 1 ~ 4 記載のオリゴヌクレオチドプライマーを用いて、SARS コロナウイルスの標的核酸領域の増幅反応を行うことを特徴とする SARS コロナウイルスの検出方法。

【請求項 6】SARS コロナウイルスの標的核酸領域の増幅反応が LAMP 法であることを特徴とする請求項 5 記載の SARS コロナウイルスの検出方法。

【請求項 7】請求項 1 ~ 4 記載のオリゴヌクレオチドプライマーを用いて SARS コロナウイルスの標的核酸領域の増幅を検出することにより、SARS コロナウイルス感染の有無を診断することを特徴とする重症急性呼吸器症候群の診断方法。

【請求項 8】重症急性呼吸器症候群の診断方法において、請求項 1 ~ 4 記載のオリゴヌクレオチドプライマーを含むことを特徴とするキット。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、SARS コロナウイルスの検出方法に関し、さらに詳しくは遺伝子の、高感度な検出法を利用した重症急性呼吸器症候群の診断方法に関するものである。

【0002】

【従来の技術と問題点】

重症急性呼吸器症候群 (SARS と略す) は、2002 年 11 月から中国広東省に端を発し、香港、台湾、カナダなどの国で爆発的な感染を引き起こしている感染症である。世界保健機関 (WHO) によると、SARS 感染者の死亡率は平均 15%、65 歳以上の高齢者では 50% 以上と推計されている。SARS の病原ウイルスである SARS コロナウイルスは、1 本鎖 RNA ウイルスである (例えば、非特許文献 1 参照)。

【0003】

SARSの主な臨床症状は38℃以上の発熱、咳、呼吸困難等の呼吸器症状であり、ほかに頭痛、悪寒戦慄、食欲不振、全身倦怠感、下痢、意識混濁などの症状が見られることもある。しかしこれらの症状は、他の呼吸器疾患、例えばインフルエンザなどとほとんど同じで、症状のみから他の疾患と鑑別する事は難しい。

【0004】

臨床検査法として免疫学的方法が知られている。これは血液、血清、尿あるいは唾液中のウイルスの抗原に対する抗体の存在を調べるもので、SARSコロナウイルスでは酵素免疫測定法(ELISA)と免疫蛍光法(IFA)の二つの方法が知られている。しかし、これらはいずれも発病初期には検出されず、ELISAでは発病後20日以降、IFAでは発病後10日以降でないと抗体が検出されない(例えば、非特許文献2参照)。

【0005】

この他にウイルスの遺伝子をPCR法で増幅する事で検出する方法も知られている。しかしこの方法は、1時間以上必要であり、検出感度が低いという問題が示唆されていた。そこで、迅速かつ高感度にSARSコロナウイルスを検出できる検査法が望まれていた。(例えば、非特許文献3、4参照)

【0006】

本発明者らは、現在知られている方法、免疫学的測定法やPCR法より高感度で特異的かつ所要時間が短い検出方法、すなわちLAMP法を用いることで、本発明の目的を達成できた。

【0007】

【非特許文献1】

World Health Organization Update 49 - SARS case fatality ratio, incubation period 7 May 2003 Case fatality ratio 平成15年6月24日検索、インターネット<URL:http://www.who.int/csr/sars/archive/2003_05_07a/en/>

【非特許文献2】

国立感染症研究所感染症情報センター、SARS：診断検査法（4月29日 4訂
-1）平成15年6月24日検索、インターネット<URL:http://idsc.nih.go.jp
/others/urgent/update41-No1.html>

【非特許文献3】

Drosten C., et al. 「New Eng. J. Med.」 2003年、348巻、P.1967-197

6

【非特許文献4】

国立感染症研究所感染症情報センター、国立感染症研究所ウイルス第三部
第1室 RT-PCR法によるSARSコロナウイルス遺伝子の検出（2003年5月16日更新）
平成15年6月24日検索、インターネット<URL:http://idsc.nih.go.jp/othe
rs/urgent/update56-b.html>

【0008】

【発明が解決しようとする課題】

本発明は、SARSの早期診断のために、その病原ウイルスであるSARSコ
ロナウイルスを高感度に検出させることを目的とする。

【0009】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、上記課題を解決するために鋭意研究を行った結果、SARSコ
ロナウイルスに特異的な塩基配列と選択的にハイブリダイズするオリゴヌクレオ
チドプライマーを作製し、LAMP法によりSARSコロナウイルスに特異的な
塩基配列を増幅することで、SARSコロナウイルスを高感度に検出できること
を見出し、本発明を完成した。

【0010】

すなわち、本発明は以下の構成からなる。

（1）配列番号1で示されるSARSコロナウイルスのRNAポリメラーゼ塩
基配列の、41番～256番の塩基配列から選ばれた任意の塩基配列、又はそれ
らと相補的な塩基配列から設計されたオリゴヌクレオチドプライマー。

（2）SARSコロナウイルスのRNAポリメラーゼ塩基配列から選ばれた配
列番号2～13で示される塩基配列又はそれらと相補的な塩基配列から選ばれた

、少なくとも連続する15塩基を含む(1)記載のオリゴヌクレオチドプライマー。

(3) SARSコロナウイルスの標的核酸上の3'末端側からF3c、F2c、F1cという塩基配列領域を、5'末端側からR3、R2、R1という塩基配列領域を選択し、それぞれの相補的塩基配列をF3、F2、F1、そしてR3c、R2c、R1cとしたときに、以下の(a)～(d)から選ばれた塩基配列から成ることを特徴とする(1)～(2)記載のオリゴヌクレオチドプライマー。

(a) 標的核酸のF2領域を3'末端側に有し、5'末端側に標的核酸のF1c領域を有する塩基配列。

(b) 標的核酸のF3領域を有する塩基配列。

(c) 標的核酸のR2領域を3'末端側に有し、5'末端側に標的核酸のR1c領域を有する塩基配列。

(d) 標的核酸のR3領域を有する塩基配列。

(4) SARSコロナウイルスに特異的な塩基配列を増幅でき、5'末端から3'末端に向かい以下の(e)～(h)から選ばれた塩基配列から成ることを特徴とする(1)～(3)記載のオリゴヌクレオチドプライマー。

(e) 5'－(配列番号2の塩基配列に相補的な塩基配列)－(塩基数0～50の任意の塩基配列)－(配列番号3の塩基配列)－3'

(f) 5'－(配列番号5の塩基配列)－(塩基数0～50の任意の塩基配列)－(配列番号6の塩基配列に相補的な塩基配列)－3'

(g) 5'－(配列番号8の塩基配列に相補的な塩基配列)－(塩基数0～50の任意の塩基配列)－(配列番号9の塩基配列)－3'

(h) 5'－(配列番号11の塩基配列)－(塩基数0～50の任意の塩基配列)－(配列番号12の塩基配列に相補的な塩基配列)－3'

(5) (1)～(4)記載のオリゴヌクレオチドプライマーを用いて、SARSコロナウイルスの標的核酸領域の増幅反応を行うことを特徴とするSARSコロナウイルスの検出方法。

(6) SARSコロナウイルスの標的核酸領域の増幅反応がLAMP法であることを特徴とする(5)記載のSARSコロナウイルスの検出方法。

(7) (1) ~ (4) 記載のオリゴヌクレオチドプライマーを用いて SARS コロナウイルスの標的核酸領域の増幅を検出することにより、SARS コロナウイルス感染の有無を診断することを特徴とする重症急性呼吸器症候群の診断方法。

(8) 重症急性呼吸器症候群の診断方法において、(1) ~ (4) 記載のオリゴヌクレオチドプライマーを含むことを特徴とするキット。

以下、本発明を詳細に説明する。

【0011】

【発明の実施の形態】

本発明において使用される試料としては、SARS 感染を疑われる人間あるいは動物の生体由来の検体、例えば喀痰、肺洗浄液、血液、血清、尿、糞便、組織抽出液などが挙げられる。

【0012】

このように生体由来の核酸を増幅するためには、近年、納富らが開発した、PCR 法で不可欠とされる温度制御が不要な新しい核酸増幅法：LAMP (Loop-mediated Isothermal Amplification) 法と呼ばれるループ媒介等温増幅法 (特許公報国際公開第00/28082号パンフレット) で達成させられる。この方法は、鋳型となるヌクレオチドに自身の3'末端をアニールさせて相補鎖合成の起点とするとともに、このとき形成されるループにアニールするプライマーを組み合わせることにより、等温での相補鎖合成反応を可能とした核酸増幅法である。また、LAMP 法では、プライマーの3'末端が常に試料に由来する領域に対してアニールするために、塩基配列の相補的結合によるチェック機構が繰り返し機能するため、その結果として、高感度にかつ特異性の高い核酸増幅反応を可能としている。

【0013】

LAMP 反応で使用されるオリゴヌクレオチドプライマーは、鋳型核酸の塩基配列の計6領域、すなわち3'末端側からF3c、F2c、F1cという領域と、5'末端側からR3、R2、R1という領域の塩基配列を認識する少なくとも4種類のプライマーであって、各々インナープライマーF及びRとアウトーパープライマーF及びRと呼ぶ。また、F1c、F2c、F3cの相補配列をそれぞれF

1、F2、F3、またR1、R2、R3の相補鎖をR1c、R2c、R3cと呼ぶ。インナープライマーとは、標的塩基配列上の「ある特定のヌクレオチド配列領域」を認識し、かつ合成起点を与える塩基配列を3'末端に有し、同時にこのプライマーを起点とする核酸合成反応生成物の任意の領域に対して相補的な塩基配列を5'末端に有するオリゴヌクレオチドである。ここで、「F2より選ばれた塩基配列」及び「F1cより選ばれた塩基配列」を含むプライマーをインナープライマーF（以下IPF）、そして「R2より選ばれた塩基配列」と「R1cより選ばれた塩基配列」を含むプライマーをインナープライマーR（以下IPR）と呼ぶ。一方、アウタープライマーとは、標的塩基配列上の「ある特定のヌクレオチド配列領域」の3'末端側に存在するある特定のヌクレオチド配列領域」を認識かつ合成起点を与える塩基配列を有するオリゴヌクレオチドである。ここで、「F3より選ばれた塩基配列」を含むプライマーをアウタープライマーF（以下OPF）、「R3より選ばれた塩基配列」を含むプライマーをアウタープライマーR（以下OPR）と呼ぶ。ここで、各プライマーにおけるFとは、標的塩基配列のセンス鎖と相補的に結合し、合成起点を提供するプライマー表示であり、一方Rとは、標的塩基配列のアンチセンス鎖と相補的に結合し、合成起点を提供するプライマー表示である。ここで、プライマーとして用いられるオリゴヌクレオチドの長さは、10塩基以上、好ましくは15塩基以上で、化学合成あるいは天然のどちらでも良く、各プライマーは単一のオリゴヌクレオチドであってもよく、複数のオリゴヌクレオチドの混合物であってもよい。

【0014】

LAMP法においては、インナープライマーとアウタープライマーに加え、さらにこれとは別のプライマー、すなわちループプライマーを用いる事ができる。ループプライマー(Loop Primer)は、ダンベル構造の5'末端側のループ構造の一本鎖部分の塩基配列に相補的な塩基配列を持つプライマーである。このプライマーを用いると、核酸合成の起点が増加し、反応時間の短縮と検出感度の上昇が可能となる(特許文献国際公開第02/24902号パンフレット)。ループプライマーの塩基配列は上述のダンベル構造の5'末端側のループ構造の一本鎖部分の塩基配列に相補的であれば、標的遺伝子の塩基配列あるいはその相補鎖から選ばれても

良く、他の塩基配列でも良い。また、ループプライマーは1種類でも2種類でも良い。

【0015】

SARSコロナウイルスはRNAウイルスである。LAMPは鋳型がRNAの場合には、鋳型がDNAの場合の反応液に逆転写酵素を添加する事で、同様に核酸増幅反応を進めることができる(RT-LAMP法)。

【0016】

本発明者らは、SARSコロナウイルスのRNAポリメラーゼの塩基配列(非特許文献3)より配列番号1で示される塩基配列から、SARSコロナウイルスの特異的な塩基配列を迅速に増幅できるLAMP法のプライマーの塩基配列とその組み合わせを鋭意研究した結果、プライマーセットとして次のA、Bの2組を選定した。

(プライマーセットA)

IPF-A: 5'-TACATCAAAGCCAATCCACGCAATATGTTTATCACCCGCGAAGA-3' (配列番号14)

OPF-A: 5'-ACCAAGTCAATGGTTACCCT-3' (配列番号4)

IPR-A: 5'-GCTGTCATGCAACTAGAGATGCTACAGCTACTAAGTTAACACCTG-3' (配列番号15)

OPR-A: 5'-GTGTCAACATAACCAGTCGG-3' (配列番号16)

LPF-A: 5'-ACGAACGTGACGAATAGCT-3' (配列番号20)

LPR-A: 5'-GTACTAACCTACCTCTCCAGC-3' (配列番号21)

(プライマーセットB)

IPF-B: 5'-GTTGCATGACAGCCCTCTACAGAAGCTATTCGTCACGT-3' (配列番号17)

OPF-B: 5'-AATATGTTTATCACCCGCG-3' (配列番号10)

IPR-B: 5'-GCTGTGGGTACTAACCTACCTGTCAACATAACCAGTCGG-3' (配列番号18)

列番号 18)

OPR-B: 5'-CTCTGGTGAATTCTGTGTT-3' (配

列番号 19)

LPF-B: 5'-CAAAGCCAATCCACGCA-3' (配列番号 22)

LPR-B: 5'-CCAGCTAGGATTTTCTACAGG-3' (配列番号 23)

【0017】

核酸合成で使用する酵素は、鎖置換活性を有する鋳型依存性核酸合成酵素であれば特に限定されない。このような酵素としては、Bst DNAポリメラーゼ（ラージフラグメント）、Bca(exo-)DNAポリメラーゼ、大腸菌DNAポリメラーゼIのクレノウフラグメント等が挙げられ、好ましくはBst DNAポリメラーゼ（ラージフラグメント）が挙げられる。

【0018】

RT-LAMP法に用いる逆転写酵素としては、AMVやMMLVの逆転写酵素、SuperscriptII、ReverTraAce、Thermoscript等が挙げられ、好ましくは、AMV逆転写酵素が挙げられる。またBca DNAポリメラーゼのように、逆転写酵素活性とDNAポリメラーゼ活性の両活性を有する酵素があり、このような酵素を用いると、RT-LAMP反応を1つの酵素で行う事ができる。

【0019】

LAMP反応後の核酸増幅産物の検出には公知の技術が適用できる。例えば、増幅された塩基配列を特異的に認識する標識オリゴヌクレオチドや蛍光性インターカレーター法（特許文献特開2001-242169号公報）を用いたり、あるいは反応終了後の反応液をそのままアガロースゲル電気泳動にかけても容易に検出できる。アガロースゲル電気泳動では、LAMP増幅産物は、塩基長の異なる多数のバンドがラダー（はしご）状に検出される。また、LAMP法では核酸の合成により基質が大量に消費され、副産物であるピロリン酸が、共存するマグネシウムと反応してピロリン酸マグネシウムとなり、反応液が肉眼でも確認できる程に白濁する。したがって、この白濁を、反応終了後あるいは反応中の濁度上昇を経時的に光学的に観察できる測定機器、例えば400nmの吸光度変化を通常の分光光度計を用いて確認することも可能である（特許文献国際公開第01/83817号パンフレット）。

ト)。

【0020】

本発明のプライマーを用いて核酸増幅の検出を行う際に必要な各種の試薬類は、あらかじめパッケージングしてキット化する事ができる。具体的には、本発明のプライマーあるいはループプライマーとして必要な各種のオリゴヌクレオチド、核酸合成の基質となる4種類のdNTP、核酸合成を行うDNAポリメラーゼ、逆転写活性を持つ酵素、酵素反応に好適な条件を与える緩衝液や塩類、酵素や鋳型を安定化する保護剤、さらに必要に応じて反応生成物の検出に必要な試薬類がキットとして提供される。

【0021】

【実施例】

以下に実施例を挙げて本発明を具体的に説明するが、本発明はこれらにより何ら限定されるものではない。

実施例1. 検出感度の確認

LAMP法と、PCR法との検出感度の比較を行った。

1. 試料及び試薬の調製

1) 試料

SARSコロナウイルスのRNAポリメラーゼの配列より選ばれた配列番号1のRNAをYeast RNA(Ambion社製)溶液(50ng/ μ L)に溶解し、1 μ Lあたり10コピーから 10^4 コピーまでの希釈液を作製し、試料溶液とした。また同Yeast RNA溶液を0コピーの試料溶液とした。

【0022】

2) PCR法に用いる試薬組成及び濃度

PCR法で使用するSARSコロナウイルス検出用プライマーとして、RNAポリメラーゼゲノムの195bpを増幅する配列番号24および25で示される塩基配列からなる2種類のプライマーを使用した、非特許文献4記載の方法に準じて行った。

cDNAの合成反応溶液組成

・5×First Strand Buffer

4 μ L

- ・ 10mM dNTPs $1\mu\text{L}$
- ・ 0.1M DTT $2\mu\text{L}$
- ・ Random primer (50ng/ μl , TAKARA) $1\mu\text{L}$
- ・ RNase Inhibitor (40U/ μl , Invitrogen) $1\mu\text{L}$
- ・ SuperScriptII (200U/ μl , Invitrogen) $1\mu\text{L}$
- ・ Distilled water $5\mu\text{L}$
- ・ 試料溶液 $5\mu\text{L}$

P C R 反応溶液組成

- ・ 10× Ex Taq buffer(Mg free) $5\mu\text{L}$
- ・ 25mM MgCl_2 $4\mu\text{L}$
- ・ 2.5mM dNTPs $4\mu\text{L}$
- ・ 10pmol/ μL プライマー 各 $1\mu\text{L}$
- ・ Ex Taq (5U/ μL , TAKARA) $0.5\mu\text{L}$
- ・ Distilled water $33.5\mu\text{L}$
- ・ cDNA合成溶液 $1\mu\text{L}$

【0023】

3) LAMP法に用いる試薬組成及び濃度

LAMP法による増幅のため、最終反応溶液 $25\mu\text{L}$ 中の各試薬濃度が下記になるよう調製した。

反応溶液組成

- ・ 20mM Tris-HCl pH8.8
- ・ 10mM KCl
- ・ 8mM MgSO_4
- ・ 1.4mM dNTPs
- ・ 10mM $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$
- ・ 0.8M Betaine (Sigma)
- ・ 0.1% Tween20
- ・ 1.6 μM IPF及び IPR^*
- ・ 0.2 μM OPF及び OPR^*

- ・ 0.8 μ M L P F 及び L P R
- ・ AMV Reverse Transcriptase 0.625U (Invitrogen)
- ・ Bst DNA polymerase 8U (New England Biolabs)
- ・ 0.25 μ g/mL EtBr (ニッポンジーン)

2. 核酸増幅法による反応

【0024】

1) P C R 法による反応

cDNA合成反応は、標的配列0または $10 \sim 10^3$ コピーを含む試料溶液5 μ Lを上記のcDNA合成反応溶液に加え、42℃50分その後70℃15分で行った。P C R反応は、上記P C R反応溶液に、cDNA合成した溶液1 μ Lを加え、最終反応溶液50 μ Lとし、0.2mLの専用チューブ内でPTC-200(MJリサーチ社製)を用い、熱変性95℃30秒、アニーリング56℃30秒、ポリメラーゼ伸長反応72℃30秒を1サイクルとして計40サイクル行った。所要時間は約1時間だった。反応終了後の反応溶液5 μ Lを2%アガロースゲルで電気泳動を行った。

2) L A M P 法による反応

L A M P用試薬に、標的配列0または $10 \sim 10^3$ コピーを含む試料溶液1 μ Lを加え、最終反応溶液25 μ Lとし、0.2mLの専用チューブ内で、63℃で60分L A M P反応を行った。反応終了後の反応溶液5 μ Lを2%アガロースゲルで電気泳動を行った。

3. 電気泳動法による各増幅反応の検出感度の比較結果

P C R法の電気泳動の結果を図1に、L A M P法の電気泳動の結果を図2に示す。その結果、P C R法、L A M P法とも増幅産物の確認ができた。P C R法では、 10^2 コピーまでは195bpの特異的バンドが明瞭に認められたが、10コピーでは薄いバンドとして観察された。これに対しL A M P法では、10コピーまで特異的増幅のラダー状のバンドを確認することができた。

【0025】

実施例2. L A M P法のリアルタイム蛍光測定法による検出時間の検討

PRISM 7700型蛍光測定機 (Applied Biosystems社製) を用いてリアルタイム蛍光測定法による検出時間の検討を行った。実施例1.のL A M P法の組成25 μ Lを

用い、反応温度63℃で行った。図3にプライマーセットA、図4にプライマーセットBを用いた結果を示す。

プライマーセットA、B共に0コピーでは60分でも蛍光の増加は見られず、10コピー以上では20分以内に蛍光の増加が確認され、20分で10コピーの存在を検出できた。

【0026】

【発明の効果】

本発明によれば、SARSコロナウイルスに特異的な塩基配列と選択的にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドプライマーを作製し、LAMP法によりSARSコロナウイルスに特異的な塩基配列を増幅することで、SARSコロナウイルスを高感度かつ迅速に検出することができる。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Eiken Kagaku Kabushiki Kaisya

<120> Detection of SARS corona virus

<130> P-000494

<160>

<210> 1

<211> 300

<212> DNA

<213>

<220>

<400> 1

taccgtagac tcattcttat gatgggtttc aaaatgaatt accaagtcaa tggttaccct 60
aatatgttta tcaccgcga agaagctatt cgtcacgttc gtgcgtggat tggctttgat 120
gtagagggct gtcattgcaac tagagatgct gtgggtacta acctacctct ccagctagga 180
ttttctacag gtgttaactt agtagctgta ccgactggtt atgttgacac tgaaaataac 240

acagaattca ccagagttaa tgcaaacct ccaccagtg accagtttaa acatcttata 300

<210> 2

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400> 2

tgcgtggatt ggctttgatg ta

22

<210> 3

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400> 3

atatgtttat caccgcgaa ga

22

<210> 4

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400> 4

accaagtcaa tggttaccct

20

<210>5

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400> 5

gctgtcatgc aactagagat gct

23

<210> 6

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>6

caggtgttaa cttagtagct gt

22

<210>7

<211>20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>7

ccgactgggtt atgttgacac

20

<210>8

<211>20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>8

gtagagggct gtcattgcaac

20

<210>9

<211>18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>9

agaagctatt cgtcacgt

18

<210>10

<211>19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>10

aatatgttta tcacccgcg

19

<210>11

<211>21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>11

gctgtgggta ctaacctacc t

21

<210>12

<211>18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>12

ccgactgggtt atgttgac

18

<210>13

<211>19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>13

aacacagaat tcaccagag

19

<210>14

<211>44

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>14

tacatcaaag ccaatccacg caatatgttt atcacccgcg aaga

44

<210>15

<211>45

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>15

gctgtcatgc aactagagat gctacagcta ctaagttaac acctg

45

<210>16

<211>20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>16

gtgtcaacat aaccagtcgg

20

<210>17

<211>38

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>17

gttgcatgac agccctctac agaagctatt cgtcacgt

38

<210>18

<211>39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>18

gctgtgggta ctaacctacc tgtcaacata accagtcgg

39

<210>19

<211>19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>19

ctctgggtgaa ttctgtgtt

19

<210>20

<211>19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>20

acgaacgtga cgaatagct

19

<210>21

<211>21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>21

gtactaacct acctctccag c

21

<210>22

<211>17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>22

caaagccaat ccacgca

17

<210>23

<211>21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>23

ccagctagga ttttctacag g

21

<210>24

<211>24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>24

atgaattaccaagtcaatggttac

24

<210>25

<211>22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<400>25

cataaccagtcggtacagctac

22

【図面の簡単な説明】

【図 1】電気泳動法による PCR 法の検出感度を示す。

レーン 1 と 7 はマーカー

レーン 2 は試薬ブランク


レーン 3 は 0 コピー

レーン 4 は 10 コピー

レーン 5 は 10^2 コピー

レーン 6 は 10^3 コピー

【図 2】電気泳動法による LAMP 法の検出感度を示す。



レーン 1 と 12 はマーカー

レーン 2 から 6 はプライマーセット B での反応

レーン 7 から 11 はプライマーセット A での反応

レーン 2 と 7 は 0 コピー

レーン 3 と 8 は 10 コピー

レーン 4 と 9 は 10^2 コピー

レーン 5 と 10 は 10^3 コピー

レーン 6 と 11 は 10^4 コピー

【図 3】 プライマーセット A を用いたリアルタイム蛍光測定法の検出時間を示す

。

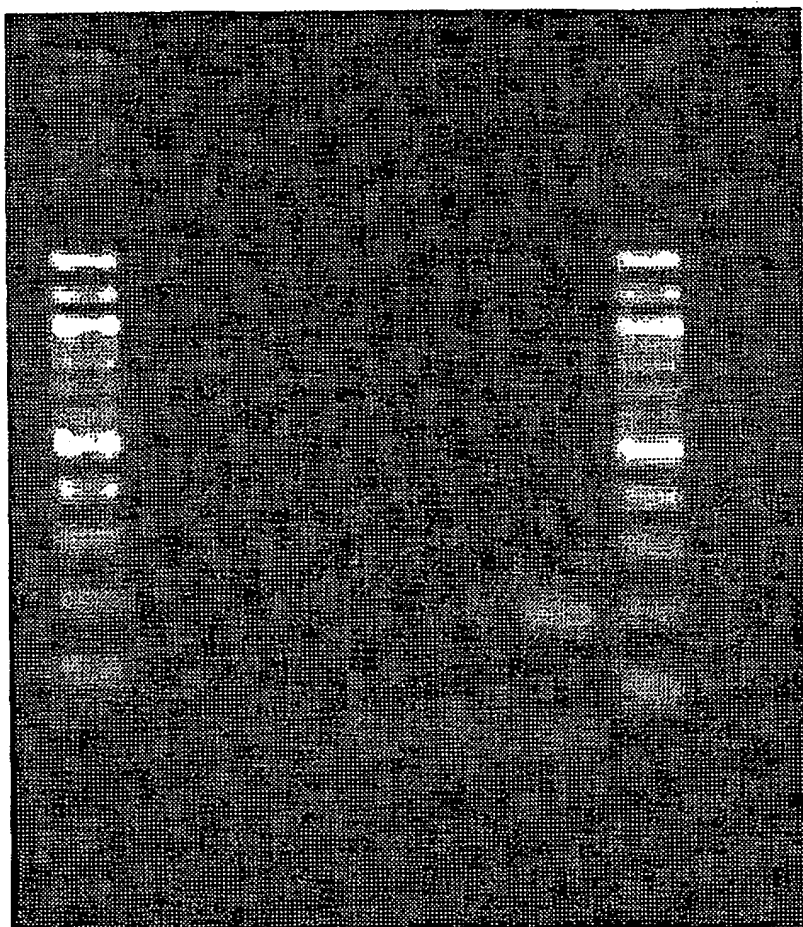
【図 4】 プライマーセット B を用いたリアルタイム蛍光測定法の検出時間を示す

。

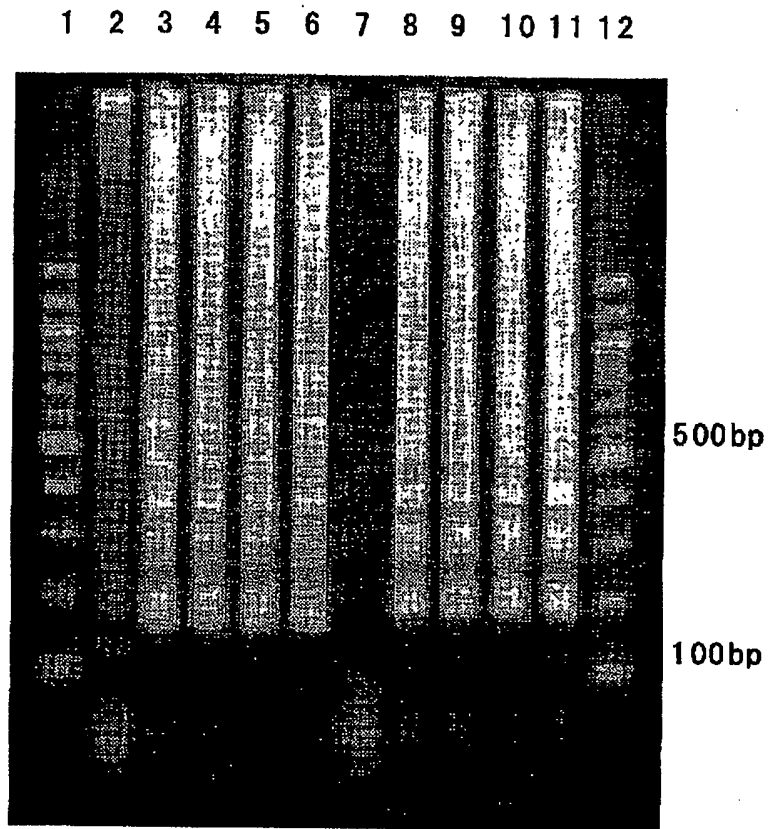
【書類名】図面

【図1】

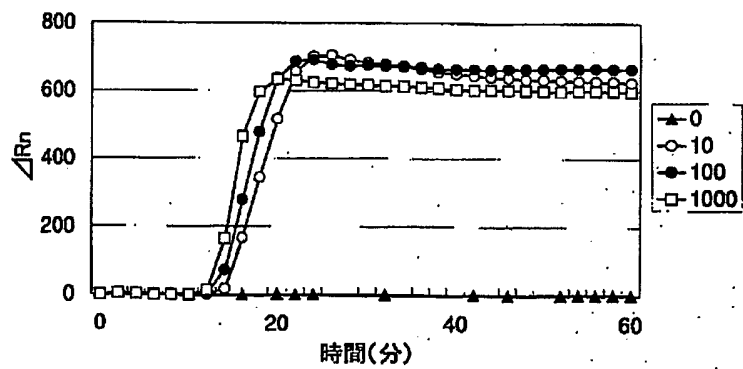
1 2 3 4 5 6 7



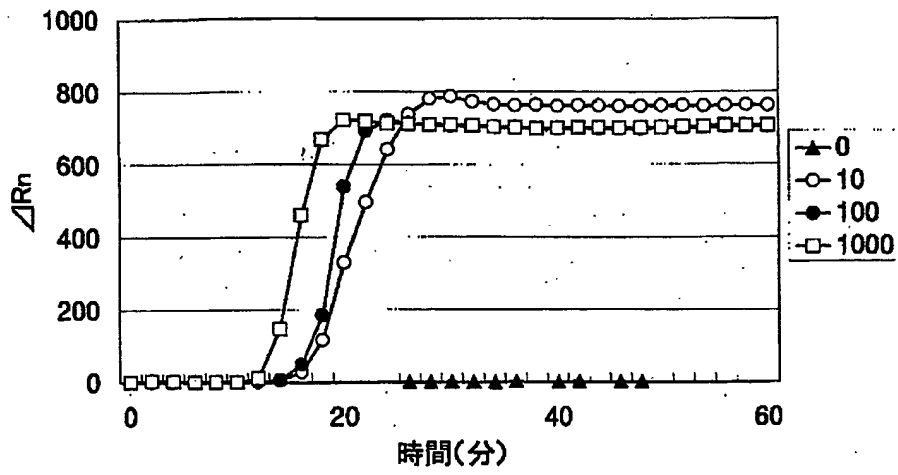
【図2】



【図3】



【図 4】



【書類名】 要約書**【要約】****【課題】**

重症急性呼吸器症候群の診断のために、その病原ウイルスである SARS コロナウイルスを高感度かつ迅速に検出する方法を提供すること。

【解決手段】

SARS コロナウイルスの RNA ポリメラーゼの塩基配列から設計された任意の塩基配列と特異的にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドプライマー、該プライマーを用いた核酸増幅法、核酸増幅の検出による SARS コロナウイルス感染の診断方法、並びに重症急性呼吸器症候群診断用キット。

【選択図】 なし

職権訂正履歴 (職権訂正)

特許出願の番号	特願2003-184123
受付番号	50301074358
書類名	特許願
担当官	田丸 三喜男 9079
作成日	平成15年 6月30日

<訂正内容1>

訂正ドキュメント

書誌

訂正原因

職権による訂正

訂正メモ

単独出願にも関わらず、【代表出願人】の項目名が記載されていたので、職権により削除しました。

訂正前内容

【特許出願人】

【代表出願人】

【識別番号】 000120456

【住所又は居所】 東京都文京区本郷1-33-8

【氏名又は名称】 栄研化学株式会社

【代表者】 黒住 忠夫

訂正後内容

【特許出願人】

【識別番号】 000120456

【住所又は居所】 東京都文京区本郷1-33-8

【氏名又は名称】 栄研化学株式会社

【代表者】 黒住 忠夫

認定・付加情報

特許出願の番号	特願2003-184123
受付番号	50301074358
書類名	特許願
担当官	第五担当上席 0094
作成日	平成15年 7月 4日

<認定情報・付加情報>

【提出日】 平成15年 6月27日

特願2003-184123

ページ: 1/E

出願人履歴情報

識別番号

[000120456]

1. 変更年月日

[変更理由]

住所

氏名

1990年 8月 9日

新規登録

東京都文京区本郷1丁目33番8号

栄研化学株式会社

出証番号 出証特2004-3090174

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☐ **BLURRED OR-ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☒ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.